IdentiPROT

комплексное решение для потока протеомных данных по принципу «все включено»

Вход через Интернет из клиентского места, включая мобильные устройства

Ввод параметров поиска

send email notification ☐
use auto optimization ☐
enzyme: add custom cleavage rule — trypsin ▾
number of missed cleavages — 2
precursor accuracy unit — ppm ▾
precursor accuracy left — 10
precursor accuracy right — 10
precursor isotope mass error — 0
product accuracy, Da — 0.1
FDR — 1.0
FDR type — psm ▾
minimum charge — 2
maximum charge — 3
generate decoy db — no ▾
decoy method — reverse ▾
decoy prefix — DECOY_
dynamic range — 100

load parameters

Послепоисковое валидирование идентификаций (до 9 ортогональных критериев)

matched fragments, min — 1
use scoring function — hyperscore ▾
score threshold — 0
show unmached spectra in results — no ▾
report number of sequence candidates — 1
select fixed modifications — camC
select potential modifications
peptide mass shift — 0

Post-search validation

PSM count ☑
PSMs per protein ☑
charge states ☐
potential modifications ☑
fragment mass tolerance ☑
precursor mass difference ☑
isotopes mass error ☑
missed cleavages ☑
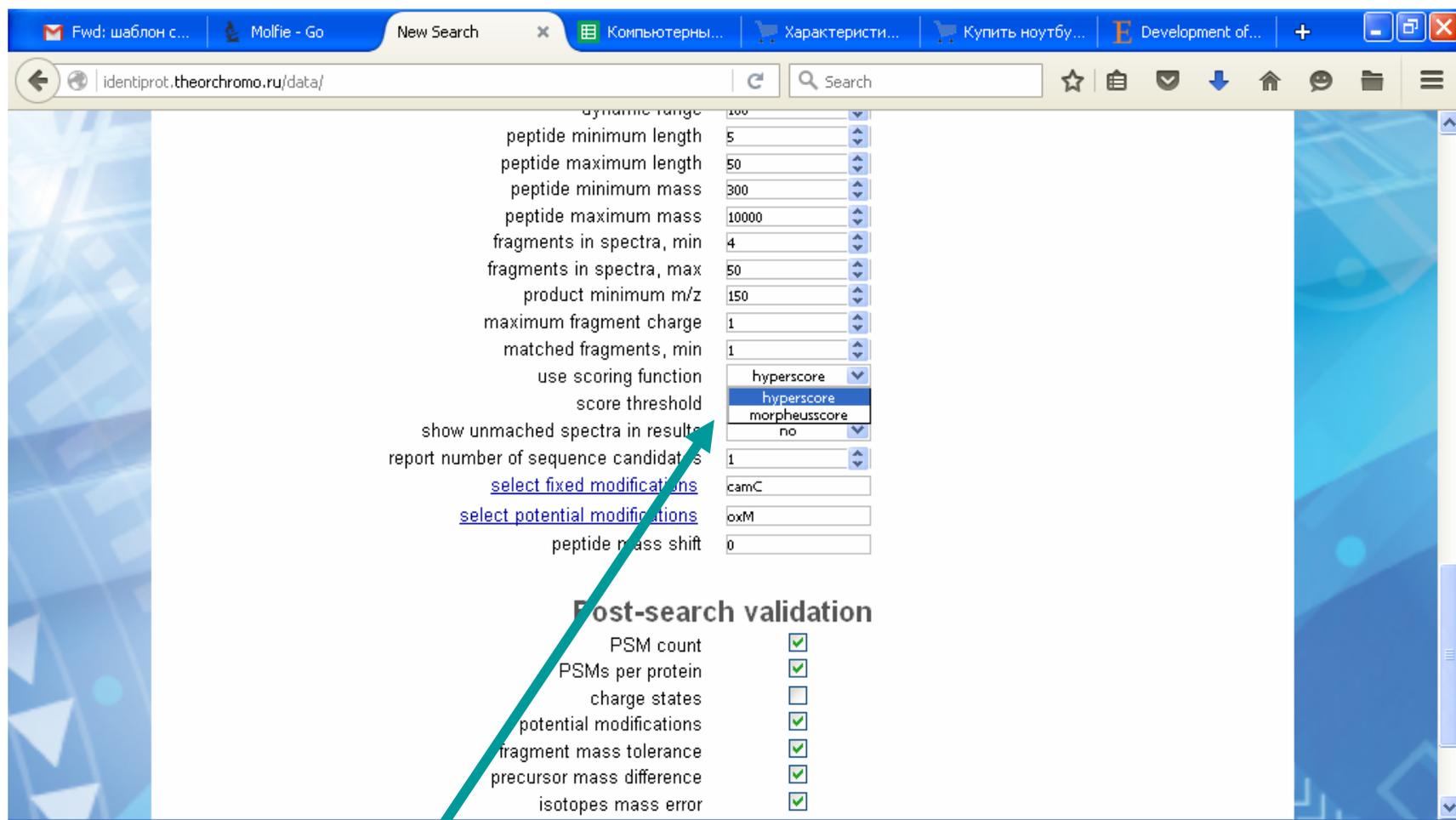RT difference ☑

Enter search run name

RUNIDENTIPROT

Clear chosen files

Автоматическая оптимизация входных параметров поиска под конкретные данные

Выбор сторонней скоринг-функции в режиме выбора параметров поиска «Advanced»

Вывод результатов поиска

Интерактивный просмотр идентификаций и их распределений по экспериментальным параметрам и физико=химическим свойствам пептидов

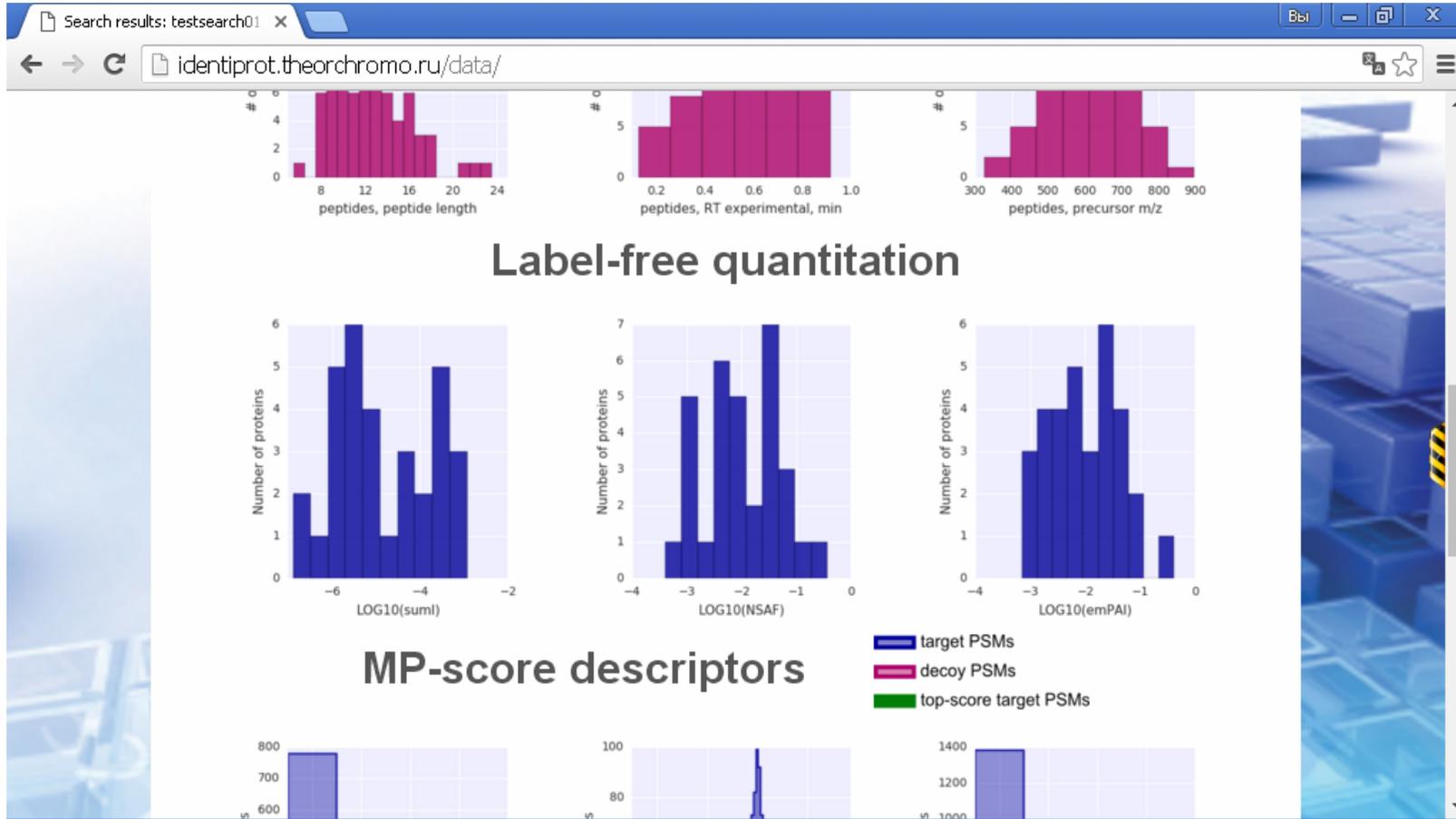**Расчет трех количественных индексов относительного содержания идентифицированных белков**

Интерактивный режим просмотра белковых идентификаций

Наши специалисты всегда с вами!